

Figure 1

SEQ ID NO:2 SEQ ID NO:4 SEQ ID NO:6 SEQ ID NO:8 SEQ ID NO:10 SEQ ID NO:12 SEQ ID NO:13 SEQ ID NO:14	1	60
		RPFHFINQTEPLVHTQQPPSPAPGPASQ-GQRQGNTLLSPTPLAVILVNPQRAPPVLP
		-----ARATAKALRQPCYAGIFRNIEC-GPSAAESLGFPKLRG-----INV
		-----TRADAGERMA-----G
		T-----MIGSVKRPVVSCVLPEFDFTESTGLGKSSSVKLPVNFG-----AFG
		-----MIAAGAKSLL-----GLMASPK-----G-----IFD
SEQ ID NO:2 SEQ ID NO:4 SEQ ID NO:6 SEQ ID NO:8 SEQ ID NO:10 SEQ ID NO:12 SEQ ID NO:13 SEQ ID NO:14	61	120
		SAA-----AAVAGISSSSA
		GLTPSDAPLPALVIHGLTPRSSHSSAGLASDSGRREGEGRGARTHCHRIGIRWVRRRRN
		-----S
		TGLHCGRGLVLVLRAKSKPIRAKEN--ASVASLID-DWFKPITAKED-----S
		SEA-----VPVVAAGKQP-----VNG
		-----S
		SGG--GEVKLGFLAPIKATESKTS--FQVNGKVDNFRHLQPSDCNSN-----S
		SNSMSNSRSVVVVRACVSMDGSQTL-----HNKNGSIPEVKSI-----
SEQ ID NO:2 SEQ ID NO:4 SEQ ID NO:6 SEQ ID NO:8 SEQ ID NO:10 SEQ ID NO:12 SEQ ID NO:13 SEQ ID NO:14	121	180
		-----LVTSTVGKSTNILWHECAIGQKERQGNNQKGCVVWITGLSGSGK
		GAAPGEAPHSPVKEPKVMSNIGKSTNILWHNCLIQSDRQKLLGOKGCVVWITGLSGSGK
		-----SIVPKASNIFWHDCAVGQADRQKLLQKGCVVWITGLSGSGK
		NAE-DRTTFSFGKNLTQMSNVGNSTNIMWHDCPIQKDQPRQQLLOQQGCVVIWTGLSGSGK
		-----SAMAGIDKLVTSTVGKSTNVLWHDPCIPQFERQELLNQKGCVVWITGLSGSGK

		DSSLNNCNGFPGKKILQTTTVGNSTNILWHKCAVEKSERQEPLQQRCGCVIWTGLSGSGK
		-----NGHTGQKQGFLSTVGNSTNIKWHECSVEKVRQRLLDQKGCVIWTGLSGSGK
SEQ ID NO:2 SEQ ID NO:4 SEQ ID NO:6 SEQ ID NO:8 SEQ ID NO:10 SEQ ID NO:12 SEQ ID NO:13 SEQ ID NO:14	181	240
		STLACALSRELHGRRGHLYVLDGDNLRHGLNRDLDFKAEDRAENIRRGEVAKLFADAGL
		GAAPGEAPHSPVKEPKVMSNIGKSTNILWHNCLIQSDRQKLLGOKGCVVWITGLSGSGK
		-----SIVPKASNIFWHDCAVGQADRQKLLQKGCVVWITGLSGSGK
		STLACTLDRHLTRGKLTSVLDGDNLRHGLNRDLDFKAEDRAENIRRGEVAKLFADAGL

		STIACALSQLSHSKGKLSYILDGDNLRHGLNRDLDFKAEDRAENIRRGEVAKLFADAGL

		STLACALSRELHSRGHLYILDGDNVRHGLNSDLDFKAEDRAENIRRGEVAKLFADAGL

		STLACALSRGLHAQGKLYILDGDNVRHGLNSDLDFKAEDRAENIRRGEVAKLFADAGV

		STLACALNQMLYQKGKLCYILDGDNVRHGLNRDLDFKAEDRAENIRRGEVAKLFADAGI
SEQ ID NO:2 SEQ ID NO:4 SEQ ID NO:6 SEQ ID NO:8 SEQ ID NO:10 SEQ ID NO:12 SEQ ID NO:13 SEQ ID NO:14	241	300
		VCIASLISPYRSRSACRDLLLKHKSFIEVFIDVPLQVCEARDPKGLYKLARAGKIKGFTG
		ICIASLISPYRRDRDACRALLPHSNMFIEVFIDPLKICEARDPKGLYKLARTGKIKGFTG

		VCIASFKSPYKREK-----
		ICITSLISPYQKDRDACRALLSKGDFIEVFIDVPLHVCEARDPKGLYKLARAGKIKGFTG
		ICIASLISPYRSERSACRKLLHNSTFIEVFLNVPLECEARDPKGLYKLARAGKIKGFTG
		-----RLARTGKIKGFTG
		ICIASLISPYRKPDACRSLLPEGDFIEVFMDVPLKVCEARDPKGLYKLARAGKIKGFTG
		ICIASLISPYRTDRDACPRLSLLPEGDFVEVFMDVPLSVCPEARDPKGLYKLARAGKIKGFTG

Figure 1 (cont'd.)

SEQ ID NO:2	301	344
SEQ ID NO:4	IDDPYEPPSDCEIVIQCCKVGDCPSPESMAGHVVSYLETNGFLQD	
SEQ ID NO:6	IDDPYEPPINGEIVIKMKDEECPSPKAMAKQVLCYLEENGYLQA	-----ES
SEQ ID NO:8	IDDPYEPPCSCEIVLQQKGSDCKSPSDMAEEVISYLEENGYLRA	
SEQ ID NO:10	IDDPYEAPSADCIVIQCCKAGDCATPKSMADQVVSYLEANEFLQE	
SEQ ID NO:12	VDDPYESPVNSEIVIKMEEGECPSPKAMAQQVLSYLEKNGYLQA	
SEQ ID NO:13	IDDPYEPPPLKSEIVLHQQLGMCDSPCDLADIVISYLEENGYLKA	
SEQ ID NO:14	IDDPYEPPLNCEISLGREGG--TSPIMEAEKVVGYLDNKGYLQA	

09203614 . 201204